

学校编码: 10384

分类号_____密级_____

学号: 21720061152160

UDC _____

厦 门 大 学

硕 士 学 位 论 文

深海细菌 *Shewanella piezotolerans* WP3 中
DMSO 厌氧呼吸系统及其调控机制的研究

Analysis of anaerobic DMSO respiration system and
its regulation mechanism in deep sea bacterium

Shewanella piezotolerans WP3

张玉霞

指导教师姓名: 肖 湘 研 究 员

专 业 名 称: 微 生 物 学

论文提交日期: 2009 年 04 月

论文答辩时间: 2009 年 05 月

学位授予日期: 2009 年 月

答辩委员会主席: _____

评 阅 人: _____

2009 年 05 月

厦门大学学位论文原创性声明

本人呈交的学位论文是本人在导师指导下,独立完成的研究成果。本人在论文写作中参考其他个人或集体已经发表的研究成果,均在文中以适当方式明确标明,并符合法律规范和《厦门大学研究生学术活动规范(试行)》。

另外,该学位论文为(海洋三所生物遗传重点实验室)课题(组)的研究成果,获得(海洋三所生物遗传重点实验室)课题(组)经费或实验室的资助,在(海洋三所生物遗传重点实验室)实验室完成。(请在以上括号内填写课题或课题组负责人或实验室名称,未有此项声明内容的,可以不作特别声明。)

声明人(签名): 张玉霞

2009 年 5 月 30 日

厦门大学学位论文著作权使用声明

本人同意厦门大学根据《中华人民共和国学位条例暂行实施办法》等规定保留和使用此学位论文，并向主管部门或其指定机构送交学位论文（包括纸质版和电子版），允许学位论文进入厦门大学图书馆及其数据库被查阅、借阅。本人同意厦门大学将学位论文加入全国博士、硕士学位论文共建单位数据库进行检索，将学位论文的标题和摘要汇编出版，采用影印、缩印或者其它方式合理复制学位论文。

本学位论文属于：

（ ） 1.经厦门大学保密委员会审查核定的保密学位论文，于
年 月 日解密，解密后适用上述授权。

（ ☒ ） 2.不保密，适用上述授权。

（请在以上相应括号内打“√”或填上相应内容。保密学位论文应是已经厦门大学保密委员会审定过的学位论文，未经厦门大学保密委员会审定的学位论文均为公开学位论文。此声明栏不填写的，默认为公开学位论文，均适用上述授权。）

声明人（签名）：张玉霞

2009 年 5 月 30 日

目 录

缩写词表	v
摘 要.....	vi
Abstract.....	ix
第一章 前言	1
1 深海微生物研究的概况	2
2 微生物呼吸作用的多样性及其意义	6
2.1 微生物呼吸作用的多样性	6
2.2 微生物呼吸作用的重要意义	8
3 微生物以 DMSO 为终末电子受体的厌氧呼吸的研究概况	9
3.1 钼氧转移酶的分类.....	9
3.1.1 钼氧转移酶的定义.....	10
3.1.2 钼氧转移酶的分类.....	10
3.2 古菌中 DMSO 厌氧呼吸机制的研究概况	11
3.3 细菌的 DMSO 厌氧呼吸机制的研究概况	12
3.3.1 大肠杆菌的 DMSO 厌氧呼吸机制的研究	12
3.3.2 球形红细菌的 DMSO 厌氧呼吸机制的研究	14
3.3.3 希瓦氏菌的 DMSO 厌氧呼吸机制的研究	16
3.4 DMSO 厌氧呼吸作用与环境关系的研究	19
4 本论文的研究目的和意义	22
第二章 深海细菌 <i>Shewanella piezotolerans</i> WP3 中 DMSO 厌氧呼吸 系统及其调控机制的研究	24
1 材料与方法	24
1.1 材料.....	24
1.1.1 菌株与质粒.....	24
1.1.2 引物.....	24
1.1.3 主要仪器.....	26
1.1.4 工具软件.....	27
1.1.5 主要试剂.....	27
1.1.6 工具酶.....	28
1.1.7 试剂盒.....	28
1.1.8 常用溶液、培养基的配制.....	28
1.2 方法.....	29
1.2.1 不同条件下的细菌培养.....	29
1.2.2 细菌总 DNA 的提取	30
1.2.3 WP3 总 RNA 的提取	30
1.2.4 基因组 DNA 的去除及 RNA 的纯化	31

1.2.5 PCR 反应.....	31
1.2.6 菌落 PCR.....	32
1.2.7 琼脂糖凝胶上 DNA 片段的回收.....	33
1.2.8 PCR 产物的回收.....	33
1.2.9 核酸内切酶酶切反应.....	33
1.2.10 连接反应.....	33
1.2.11 化学感受态细胞的制备.....	34
1.2.12 质粒的化学转化.....	34
1.2.13 质粒提取.....	34
1.2.14 同源性比对.....	34
1.2.15 反转录 PCR (RT-PCR).....	35
1.2.16 缺失突变载体和突变菌株的构建 (双亲杂交).....	35
1.2.17 双缺失突变菌株的构建.....	38
2 结果与讨论	39
2.1 希瓦氏菌中与 DMSO 厌氧呼吸相关的基因.....	39
2.2 WP3 中 <i>dms</i> 基因共转录的研究.....	41
2.3 WP3 中 <i>dms</i> 基因在厌氧条件下的表达变化.....	43
2.4 WP3 中 <i>dms</i> 基因在 DMSO 厌氧呼吸中的作用.....	44
2.4.2 WP3 中双 <i>dmsB</i> 基因缺失突变体的构建及突变株的表型分析.....	48
2.4.3 WP3 中 <i>dmsA-1</i> 的缺失对 <i>dmsA-2</i> 和 <i>dmsB-2</i> 转录水平的影响.....	51
2.4.4 WP3 中 <i>dmsA-2</i> 的缺失对 <i>dmsA-1</i> 和 <i>dmsB-1</i> 转录水平的影响.....	52
2.5 不同浓度的 DMSO 对 <i>dms</i> 基因在厌氧条件下的转录水平的影响.....	53
2.6 WP3 的 DMSO 厌氧呼吸作用的调控.....	55
2.6.1 EtrA 并不是 DMSO 厌氧呼吸所必需的.....	55
2.6.2 Fur 在 DMSO 厌氧呼吸中的作用.....	56
2.7 DMSO 还原酶 A 亚基的建树.....	57
第三章 总结与展望.....	59
参考文献	61
附录.....	66

Contents

Abbreviations	v
Chinese abstract.....	vi
Abstract.....	ix
Chapter 1: Introduction	1
1 The research process of deep-sea microorganism.....	2
2 The diversity and significance of microbial respiration	6
2.1 The research of anaerobic DMSO respiration of archaea.....	6
2.2 The significance of microbial respiration	8
3 The research of anaerobic DMSO respiration of microorganism	9
3.1 Molybdenum oxotransferase.....	9
3.1.1 The definition of molybdenum oxotransferase	10
3.1.2 The classification of molybdenum oxotransferase.....	10
3.2 The research of anaerobic DMSO respiration of archaea.....	11
3.3 The research of anaerobic DMSO respiration of bacteria.....	12
3.3.1 The research of anaerobic DMSO respiration of <i>E.coli</i>	12
3.3.2 The research of anaerobic DMSO respiration of <i>Rhodobacter</i> <i>sphaeroides</i>	14
3.3.3 The research of anaerobic DMSO respiration of <i>Shewanella</i>	16
3.4 The relationship between anaerobic DMSO respiration and environment	19
4 Purpose, signification and contents of this thesis.....	22
Chapter 2: Analysis of anaerobic DMSO respiration system and its regulation mechanism in deep sea bacterium <i>Shewanella</i> <i>piezotolerans</i> WP3	24
1 Material and Methods	24
1.1 Material	24
1.1.1 Strains and plasmids	24
1.1.2 Primer.....	24
1.1.3 Instruments.....	26
1.1.4 Softwares.....	27
1.1.5 Reagents.....	27
1.1.6 Enzymes.....	28
1.1.7 Kits.....	28

1.1.8 Medium and solutions.....	28
1.2 Methods.....	29
1.2.1 Cell culture.....	29
1.2.2 Isolation of total DNA	30
1.2.3 Isolation of total RNA.....	30
1.2.4 Purification of RNA.....	31
1.2.5 Polymerase chain reaction (PCR)	31
1.2.6 Colony PCR	32
1.2.7 Reclaim DNA from agarose gel.....	33
1.2.8 Recovery of PCR product.....	33
1.2.9 Endorestriction reaction.....	33
1.2.10 Ligation reaction.....	33
1.2.11 Chemical method for preparation of competent cell.....	34
1.2.12 Method of chemical transformation.....	34
1.2.13 Extraction of plasmid.....	34
1.2.14 BLAST.....	34
1.2.15 Reverse transcription PCR (RT—PCR).....	35
1.2.16 Construction of single gene deletion mutant	35
1.2.17 Construction of double genes deletion mutant.....	38
2 Results and discussion	39
2.1 Genes involves in anaerobic DMSO respiration of <i>Shewanella</i>	39
2.2 The co-transcription of <i>dms</i> genes of WP3	41
2.3 Different expression of <i>dms</i> genes of WP3 under anaerobic condition...43	
2.4 The role of <i>dms</i> genes in anaerobic DMSO respiration of WP3.....	44
2.4.1 Construction and anaerobic growth of single <i>dmsA</i> or <i>dmsB</i> gene deletion strains	44
2.4.2 Construction and anaerobic growth of double <i>dmsB</i> genes deletion strain.....	48
2.4.3 The transcription analysis of <i>dmsA-2</i> and <i>dmsB-2</i> after <i>dmsA-1</i> being deleted	51
2.4.4 The transcription analysis of <i>dmsA-1</i> and <i>dmsB-1</i> after <i>dmsA-2</i> being deleted	52
2.5 The influence of different concentration of DMSO on the transcription of <i>dms</i> genes under anaerobic condition in WP3	53
2.6 The regulation of anaerobic DMSO respiration of WP3	55
2.6.1 EtrA is not essential for anaerobic DMSO respiration of WP3	55
2.6.2 The of Fur in anaerobic DMSO respiration of WP3	56
2.7 Neighbor-joining tree of A subunit of DMSO reductase of 40 organisms	57
Chapter 3: Conclusions and prospects.....	59
Reference.....	61
Appendix.....	66

缩写词表

bp	base pair 碱基对
DDW	double distilled water 双蒸水
DEPC	diethyropyrocarbonate 焦碳酸二乙脂
DMSO	dimethyl sulfoxide 二甲亚砜
DMS	dimethyl sulfide 二甲基硫
DNA	deoxyribonucleic acid 脱氧核糖核酸
dNTP	deoxyribonucleoside triphosphate 脱氧核苷三磷酸
Taq	Thermos aquatics 热聚合酶
CDNA	complementary DNA 互补 DNA
<i>E.coli</i>	<i>Escherichia coli</i> 大肠杆菌
LB	Luria Borth medium 肉汤培养基
OD	optical density 光密度
PCR	polymerase chain reaction 聚合酶链式反应
RNA	ribonucleic acid 核糖核酸
SDS	sodium dodecyl sulfate 十二烷基磺酸钠
TAE	Tris/acetate electrophoresis buffer Tris/醋酸电泳缓冲液
TE Tris/EDTA	Tris/EDTA 缓冲盐溶液

摘 要

细菌呼吸是自然界中一个最基本、最重要的生物代谢过程,具有很大灵活性和多样性,各种呼吸途径之间存在密切关系。细菌 DMSO 还原作用不仅参与了全球的硫元素、铁元素的循环,还与全球气候的降温作用、雨水酸度、大气臭氧浓度变化有密切关系。生活在深海环境下的极端微生物必然有特殊的生理代谢途径适应极端环境,在“全球生态系统”中扮演重要角色。

本文所研究的深海细菌分离自西太平洋 1914 米的深海沉积物中。菌种鉴定为 *Shewanella piezotolerans* WP3,它既是耐压菌,又是低温菌,现在已经完成其全基因组序列的测定,是研究极端微生物适应极端环境的理想材料。以 WP3 为实验材料,结合生物信息学、各种分子生物学手段,对其 DMSO 厌氧系统的组成、转录表达和调控进行了一系列地分析,使我们对极端微生物独特的基因类型、特殊的代谢途径以及在深海环境中的作用有了更为深入的了解。

希瓦氏细菌广泛的分布在各种环境中,它们能够将 DMSO 还原为 DMS 进行厌氧生长。通过对 20 株已完成全基因组测序的希瓦氏细菌的 *dms* 基因簇的比较,在希瓦氏菌中已发现五种类型的 *dms* 基因簇,其中的 10 种具有 typeI *dmsEFABGH*。相比较于 typeI 型的 *dms* 基因簇, typeII 型和 typeIII 型的则多含有一个编码外膜脂蛋白的基因; typeIV 型多含有一个不同的基因,编码与核酸内切酶相关的蛋白质; typeV 型含有 *dmsC* 基因,其排序与 *E.coli* 中的很相似,缺少编码 DmsEF (类似于 MtrAB) 的基因, DMSO 还原酶位于细胞周质,由 DmsC 锚定在内膜上^[1]。

在 WP3 中,除了找到了希瓦氏菌中已发现的五种类型之一的典型的 *dms* 基因簇类型 typeI *dmsEFABGH* 外,还发现一种新的类型 *dms* 基因簇,即 typeVI 型 *dms* 基因簇,缺少 *dmsF* 基因,在 *dmsE* 与 *dmsA* 之间还存在两个属于 LysR 家族的转录调节基因,这两个调节基因的功能还未知。WP3 以 DMSO 进行厌氧生长时, typeVI 型 *dms* 基因簇中的 *dmsA-2* 和 *dmsB-2* 明显高表达, typeI *dmsEFABGH* 也不是 WP3 进行 DMSO 厌氧呼吸所必需的,与 MR-1 中的情况正好相反。

对成功构建的 *dms* 基因单缺失突变株和双 *dmsB* 基因缺失突变体在 4℃ 和 20℃ 下进行表型生长检测,与野生菌株相比较,证明 WP3 中包含两种具有还原

DMSO 的功能的不同类型的 *dms* 基因簇。当一种类型的 *dms* 基因簇中 DMSO 还原酶基因缺失后, 另一种类型中 DMSO 还原酶基因就会增加转录量至原来的 2-3 倍, 两种类型的基因簇的单独存在均能维持缺失菌体最大限度的利用 DMSO 进行厌氧生长, 而与野生型 WP3 的厌氧生长没有什么差别。

WP3 中 DmsA 经 NCBI Blaste 比对, DmsA-1 与 *Shewanella sediminis* HAW-EB3 有最高同源性 90%, *Shewanella woodyi* ATCC 51980 有 89% 的同源性; DmsA-2 与 *Shewanella putrefaciens* CN32 有最高同源性 61%, 与 *Shewanella oneidensis* MR-1 有 60% 的同源性。但是 WP3 中的 DmsA-1 和 DmsA-2 在一级结构的序列上相似性比较低, 相比较其他菌株而言仅有 53%, 在同一菌株中具有同样的功能。WP3 不仅含有两种类型的 *dms* 基因簇, 而且 DMSO 还原酶复合物中蛋白质的序列具有高度可变性, 也很好的说明了希瓦氏菌对 DMSO 还原作用的灵活多样性。

在大肠杆菌中, Fnr 和 NarL 的共同作用调节 *dmsABC* 基因的表达。在厌氧条件下 Fnr 对 *dmsABC* 基因的表达起正调控作用; 在硝酸盐存在的条件下, NarL 对 *dmsABC* 基因的表达起负调控作用。在 MR-1 中, EtrA (电子传递蛋白 A) 与 Fnr 同源性高达 73.6%, 却不是 MR-1 进行 DMSO 厌氧呼吸所必需的, 与 Fnr 的调控作用有很大不同。CRP 在 MR-1 的厌氧呼吸中起到调控作用, MR-1 的 *crp* 缺失突变体在以 Fe(III)、Mn(IV)、延胡索酸、硝酸盐、DMSO 为单一终末电子受体培养时不能进行厌氧呼吸。厌氧条件下, CRP 的激活机制还不清楚, CRP 缺少明显的感应氧化还原势的结构, 不被认为可以感应氧化还原势的变化。

现在 WP3 中 *crp* 基因缺失突变株正在构建, 所以 *crp* 基因与 WP3 厌氧呼吸是否有联系还不确定。WP3 中 *etrA* 基因 (swp2580) 与 MR-1 的同源性高达 88%, 已经成功构建了 WP3 中 *etrA* 基因的缺失突变体, 测定了突变株 $\Delta etrA$ 对 DMSO 厌氧呼吸作用的影响。与野生型菌株比较, 突变株的生长状态没有什么变化, *etrA* 对 WP3 还原 DMSO 的过程没有调控作用。同时检测了 WP3 中 *etrA* 基因对含硫化合物的还原作用, 在 20℃ 下以硫代硫酸钠为电子受体进行厌氧生长时, 突变株 $\Delta etrA$ 同样能够将硫代硫酸钠还原, 与野生菌株没有差异。WP3 中 *etrA* 基因对其还原含硫化合物的过程并不起调控作用。

在研究 *fur* 基因 (ferric uptake regulator) 在 WP3 中的作用时, 通过实验

发现 *fur* 基因缺失突变菌株的一些厌氧呼吸受到了很大的影响，这其中包括对 DMSO 的还原作用。在 *dms* 基因簇的附近没有找到 Fur 的 DNA 结合区域，通过本实验室孙坪同学对 *fur* 基因的研究，认为 Fur 影响了细胞色素 C 的成熟系统，使厌氧呼吸的电子传递链受到影响，间接影响了 WP3 对 DMSO 等多种电子受体的利用，*fur* 基因并不起始 *dms* 基因簇的转录表达。这也体现了细胞呼吸的调控是多基因在多个水平上共同作用的结果。

关键词：*Shewanella piezotolerans* WP3；DMSO 厌氧呼吸；DMSO 还原酶

Abstract

Bacterial respiration, the most basic and important biological metabolism pathways, is flexible and various. There is close relationship between one bacterial respiration pathway and others. Bacterial respiration with DMSO not only involves in the global sulfur cycle、 iron cycle、 the cooling effect of global climate and rainfall acidity, but also is closely related to changes in atmospheric ozone concentration. Microorganisms living in the extreme environment of deep-sea must have special physiological metabolic pathways to adapt to extreme environments. They can play an important role in "the global ecosystem".

The deep sea bacteria used in this study was isolated from deep-sea sediments of 1914m depth in west Pacific. The phylogenetic analysis and molecular study shows that the bacterium is a psychrophilic and piezotolerant microbe with the term as *Shewanella piezotolerans* WP3, which will be an ideal material to study the adaptation mechanism of extremophiles to the extreme environments. In this experiment, combined with bioinformatics and molecular biology technique, we analysed the composition、 expression and regulation of anaerobic DMSO respiration system in WP3. We have a deeper understanding of the unique genes、 special metabolic pathway and the role of deep-sea microbes in environment.

Shewanella species have been isolated from many aquatic environments. They can produce DMS through respiration of DMSO under anaerobic condition. Before the investigation of WP3, five dimethyl sulfoxide (DMSO) family subsystems were found. TypeI *dmsEFABGH* is present in 10 of the 20 sequenced *Shewanella* species. Deletion of type I components in *Shewanella oneidensis* MR-1 leads to a severe defect in DMSO reduction. Compared with the type I subsystem, the type II and III subsystems contain an additional gene that is predicted to encode an outer-membrane lipoprotein, whereas the type IV subsystem has an added gene that encodes an

endonuclease-III related protein. The type IV subsystem is more characteristic of *Escherichia coli*, as it lacks genes that encode the MtrAB-like module (DmsEF), it is predicted to encode a periplasmic localized DmsAB reductase complex and it encodes the inner-membrane anchoring protein DmsC.

Two *dms* gene clusters exist in WP3, including type I subsystem and a new type subsystem without *dmsF*. There are two regulator genes before *dmsA-2*. This new *dms* gene cluster is type VI subsystem. The function of two regulator genes is unknown. In contrast with MR-1, deletion of type I components in WP3 leads to no defect in DMSO. Gene expression was greatly induced under anaerobic growth conditions for genes tested in the typeVI *dms* gene cluster (32 to 45fold) compared with a slight induction for genes tested in the typeI *dms* gene cluster (3 to 7fold). TypeI *dms* gene cluster is not necessary for anaerobic respiration with DMSO in WP3.

We tested phenotype growth of some single *dms* gene deletion strains and double *dmsB* genes deletion strain compared with wildtype WP3 at 4°C and 20°C. The result shows that WP3 has two types of functional *dms* gene clusters. When one gene cluster is destroyed, the other one also can make mutant have the gretest ability of reducing DMSO as the same as the wildtype WP3 by increasing the expression of *dms* genes.

In WP3, DmsA-1 is 90% similar to DmsA in *Shewanella sediminis* HAW-EB3 and 89% similar to DmsA in *Shewanella woodyi* ATCC 51980; DmsA-2 is 61% similar to DmsA in *Shewanella putrefaciens* CN32 and 60% similar to DmsA in *Shewanella oneidensis* MR-1. DmsA-1 is 53% similar to DmsA-2 in the sequence similarity of the primary structure. It is relatively low, compared to other strains, but they have same function. By contrast, variability in the use of DMSO can be provided by the presence of multiple copies of entire DMSO-reductase-containing subsystems in a single organism, differences in the types of electron-transfer components in these subsystems and the high degree of variability within the protein sequence of the DMSO reductase components.

Escherichia coli can respire anaerobically using dimethyl sulfoxide (DMSO) or trimethylamine-*N*-oxide (TMAO) as the terminal electron acceptor for anaerobic energy generation. Expression of the *dmsABC* genes that encode the membrane-associated DMSO/TMAO reductase is positively regulated during anaerobic conditions by the Fnr protein and negatively regulated by the NarL protein when nitrate is present. In *S. oneidensis*, however, CRP has also been linked to the regulation of anaerobic respiration, whereas in other bacteria, anaerobic growth is governed by the redox-sensing protein FNR (fumarate nitrate-reduction regulator). Interestingly, the *S. oneidensis* electron-transport regulatorA (EtrA), which shares a high degree of amino acid sequence identity with the *E. coli* FNR protein (73.6%), is not essential for anaerobic growth and reduction of electron acceptors by MR-1. By contrast, *S. oneidensis* MR-1 *crp* mutants are deficient in the anaerobic reduction of Fe(III), Mn(IV), fumarate, nitrate and dimethyl sulphoxide (DMSO). The mechanism of CRP activation under anaerobic conditions is unknown, as CRP lacks obvious redox-sensing domains and therefore is not expected to respond to redox changes.

WP3 *crp* gene deletion mutant is under construction. The relationship between the *crp* gene and WP3 anaerobic respiration is uncertain. WP3 *etrA* gene (swp2580) is 88% similar to the MR-1 *etrA* gene. We have been successfully constructed WP3 *etrA* gene mutant and tested its phenotype growth. WP3 *etrA* gene deletion mutant also can reduce $N_2S_2O_3$ under anaerobic condition. The *etrA* gene is not essential for anaerobic growth and reduction of DMSO or $N_2S_2O_3$ by WP3.

In the Sunping' study of WP3 *fur* gene (ferric uptake regulator), WP3 *fur* gene deletion mutants are deficient in the anaerobic reduction of some electron acceptors including DMSO. There is no DNA-binding box of Fnr near the *dms* gene cluster. It is predicted that Fur indirectly impact the anaerobic reduction of DMSO by affecting the maturation of cytochrome C system for the anaerobic respiration of the electron transport chain. This suggests that Fnr does not directly activate the transcriptional expression of *dms* gene clusters. This also reflects the regulation of cellular

respiration is complex and required multiple genes through multiple pathways.

Key words: *Shewanella piezotolerans* WP3; Anaerobic DMSO respiration;
DMSO reductase

厦门大学博硕士论文摘要库

第一章 前言

在自然界中，存在着一些可在绝大多数微生物所不能生长的高温、低温、高酸、高碱、高盐、高压或高辐射强度等极端环境下生活的微生物，被称为极端环境微生物或极端微生物。微生物对极端环境的适应，是自然选择的结果，是生物进化的动因之一。近年来极端微生物研究在生命科学、特别是微生物学中的地位日益突出，极端条件下的生命和生态现象研究将可能揭示生命适应逆境、演化自身的能力，为人类认识生命本质开辟新的途径。

生物的进化历程表明，地球上的生物起源于海洋。据统计，地球近 3/4 的面积是被海洋所覆盖着，海洋的 75%以上海域是深海^[2]。海洋幅员辽阔、遍布着如高温、低温、强酸、高盐、高压等理化性质独特的极端自然环境，因此，极端微生物资源极为丰富。海水，尤其是深海，营养相对贫乏，其间生物活动相对较少，但从海水表面到 10860 m 深的海底沉积物中都存在着微生物^[3]。了解极端环境下微生物的种类、遗传特性及适应机制，不仅可为生物进化、微生物分类积累资料，提供新的线索，还可利用它的特殊基因、特殊机能，最大限度的开发利用深海微生物资源。

生长和繁殖是生物在任何环境中成功竞争的决定性因素。那些能够适应极端环境的微生物是生命的奇迹。它们多样性的生命策略、独特的基因类型、特殊的遗传背景及代谢途径，在研究生命起源、进化、生命与环境的相互作用等方面给人们带来许多重要的启示，在生命行为的原理上也将拓展人们的概念。研究成果可有力地促进极端微生物为新的化学和生物技术工程提供有价值的资源，尤其在环境保护和修复、人类健康等方面的利用提供了强有力的支持。随着极端环境下生命现象的深入研究以及生物技术工程的利用，极端微生物的开发和应用也会更好的造福于人类。

Degree papers are in the "[Xiamen University Electronic Theses and Dissertations Database](#)". Full texts are available in the following ways:

1. If your library is a CALIS member libraries, please log on <http://etd.calis.edu.cn/> and submit requests online, or consult the interlibrary loan department in your library.
2. For users of non-CALIS member libraries, please mail to etd@xmu.edu.cn for delivery details.

厦门大学博硕士论文摘要库